轉殖水稻的環境風險分析

曾清山　賴明信　顏信沐　陳治官*
行政院農業委員會農業試驗所農藝組

摘　要

在基因轉殖系統尚未成熟與應用前，為了擴大遺傳變異，全球多種重要農作物與其近緣植物雜交的可能性是多數農作物育種家夢寐與求的事，曾幾何時，基因轉殖生物的基因流佈(gene flow)卻被視為洪流猛獸，參與環境風險評估者莫不戰戰兢兢，唯恐轉殖基因擴散至其它物種而天下大亂，自己將蒙上把關不力的惡極之罪。

物種間基因的流佈在自然界中原本存在，只是因物種間的各種生殖隔離，使這個現象不容易發生，且一但發生，因雜種染色體配對異常而不穩，是以過去基因流佈可能引起的問題只存在想像力豐富的科幻小說裡。但現代的基因轉殖系統已跨越這個界限，理論上，物種間的基因幾乎可無限制轉殖，引出的問題也可能超乎吾人智能。

然，目前技術所產生之基因轉殖生物有其基本特性，了解這些特性或有助於吾輩評估其對環境風險時之作為。首先，相對於被轉殖生物之基因數，轉殖入之基因是絕對少數；其次，基因轉殖系與被轉殖生物間的差異表現，主要為該轉殖基因的表現，另外，轉殖基因插入被轉殖生物 DNA 的位置可能造成少數原基因表現失常及組織培養再生轉植系的自然突變等，也可能產生變異。最後，實際應用上，被選拔出來之轉基因系將會是與被轉殖生物最大相似之轉殖基因表現系。

一物種之基因轉殖一但成功(指可穩定表現該基因功能者)，此基因在該物種內之所有品(變)種內都有最大可能的流佈，即使是自交作物。所以，同一物種內其它所謂傳統育種產生之品(變)種被轉殖系花粉污染的可能性，就現況作為言，幾乎無法避免。同理，對於近緣植物基因流佈的可能性，就是該作物與其近緣植物雜交與後裔成活的機率。

因此，基因轉殖植物基因流佈的問題應該不是評估重點，主要的風險將會是該轉殖基因的表現與產物對生態環境可能的影響。

關鍵詞：基因流佈；導入雜交；轉殖水稻；環境風險
Key words: gene flow ; introgression ; transgenic rice ; environmental risk

---

* 通訊作者（電子信箱: cgchern@wufeng.tari.gov.tw; 聯絡電話：886-4-23302301-102；傳真：886-4-23338162）

前 言

自古以來人類就不斷對農作物進行品種改良，以獲取最大經濟效益。隨著生物科技進步，近年來應用基因轉殖技術所培育出之轉殖作物，其種類及栽培面積逐年上升。根據 International Service for the Acquisition Agri-Biotech Application 統計(Clive 2004)，全球轉殖作物種植面積在 2004 年達到 8100 萬公頃，較 1996 年的 170 萬公頃增加近 50 倍，其增長速度可謂極為快速。在 1996 至 2004 年期間，全球轉殖作物種植面積累積為 3.85 億公頃，相當於美國或中國土地總面積的 40%，是英國土地總面積的 15 倍。在 1996 至 2004 年的九年期間，耐除草劑的轉殖作物一直占市場的主導地位，在 2004 年對除草劑有耐性的轉基因大豆、玉米、油菜和棉花，占了全球生物技術作物種植總面積 8,100 萬公頃的 72%。其次是具有抗蟲性狀的轉殖作物佔 19%。同時具有除草劑耐性和抗蟲性的轉殖作物，種植面積持續增加，達到 9%。

水稻是世界上最重要的糧食作物之一，全球超過 50％的人以稻米為主食，在亞洲稻米的消費量和水稻的種植面積，均占全球總量的 90%。在台灣水稻的栽培面積達二十五萬公頃(吳，2002)，是種植面積最廣的作物，過去數十年利用傳統育種方式已培育出許多優良的水稻品種。水稻是應用轉基因技術進行品種改良的作物之一，近年來利用基因轉殖技術培育而成的轉殖水稻越來越多，包括抗病、抗虫、抗病毒、抗除草劑、抗逆境（耐旱、耐鹽）等基因已分別被轉殖到不同的水稻品種，在台灣利用基因轉殖技術培育而成的轉殖水稻包括轉殖質酸酵素(*phytase*)水稻、轉殖澱粉普魯楠糖(*amylopullulanase*)水稻及轉殖豬乳鐵蛋白(*lactoferrin*)水稻，未來將會有更多的轉殖水稻育成。

轉殖水稻釋放的環境風險

傳統的育種技術是透過植物種內或近緣種間的雜交將優良性狀組合在一起，從而創造產量更高或品質更佳的新品種。此技術對本世紀農業生產的飛速發展做出了巨大貢獻，但其基因重組範圍大多限制在物種之內，小部分發生在物種之間，很難滿足農業生產在 21 世紀持續高速發展的要求。轉殖作物是使用遺傳工程或分子生物等技術，將轉殖基因轉入植物細胞中，產生基因重組現象，使其表現具轉殖基因特性。此一技術克服了植物有性雜交的限制，基因間的重組範圍無限擴大，可將從植物、動物或微生物的基因導入受體植物，所以其應用前景十分廣闊。因此產生遺傳變異之方式已經超越物種自然演化過程與透過雜交或誘變等方法有所不同。由於這種方式在自然界是不可能發生的，因此人們對於異於傳統育種方法而產生的轉殖作物釋入環境後到底會發生什麼問題充滿疑慮。

轉殖水稻釋放對於生態環境的影響主要從三個方向加以考量。第一、轉殖水稻演變成有害植物之可能性。目前商業化之轉殖水稻，主要改良性狀包括抗病、抗蟲、耐除草劑、延遲老化及軟化、營養成分改變等等，轉殖水稻在獲得這些新的基因後，其生存競爭力有可能會改變。如果其生長勢、田間自然競爭力、越冬能力或種子產量等方面比非基因轉殖植株強許多，就可能會演化成雜草，進而改變自然的生物種群，打破生態平衡。第二、轉殖水稻透過基因流佈(gene flow)將轉殖基因轉入近緣野生種的可能。在自然生態條件下，有些作物會和周圍生長的近緣野生種發生天然雜交，從而將自身所帶的轉殖基因轉入野生種。如果所轉殖的是一個耐除草劑基因，就會使野生雜草獲得抗性，增加了雜草控制的難度，特別是多個抗除草劑基因同時轉入一個野生種時，將會帶來無法預期的後果。第三、對自然生物族群的影響。通常所轉殖的基因大都與抗病或抗蟲有關，對標的或非標的生物皆可能造成影響，如大面積和長時期使用，將可能破壞生態平衡及生物多樣性。

轉殖水稻基因流佈的要件

轉殖水稻將轉殖基因傳播至自然界中，必須滿足以下三個要件：(1)在空間上轉殖水稻和非轉殖水稻或野生近緣種分布重疊，相鄰生長。野生近緣種的存在和同地分布是決定轉殖基因能否以花粉形式逃逸的基礎。沒有野生近緣種或野生近緣種與轉殖作物不是同地存在，則轉殖基因從轉殖作物逃逸的風險是可以忽略。稻在分類學上屬於禾本科(gramineae)、稻屬(*Oryza L.*)，稻屬約有二十三種分佈在世界各地，具有多種基因組（genome），不同基因組稻種間有非常嚴格的生殖隔離，其遺傳關係也相對較遠，很難發生天然雜交。台灣野生稻 *O. rufipogon* Griff. (Chang 1976)為多年生型，屬於 AA 基因組，早期分布於桃園至新竹縣若干池塘中。1929 年 9 月，首先在竹南附近池塘中發現，至 10 月間陸續在桃園八德附近數個池塘中發現。1957 年日本學者岡彥一教授調查桃園八德一帶野生稻，當時還有 3 個分族群存活，各約 1,000 株，後可能與雜草李氏禾(*Leersia hexandra*)競爭而衰退，至 1980 年前後完全滅絕。因此在台灣轉殖水稻沒有機會在自然生態環境下透過導入雜交(introgression)，將轉殖基因轉入野生稻。

(2) 在時間上轉殖水稻和非轉殖水稻或野生近緣種花期相遇。水稻開花習性隨栽培時間、環境因子（溫度、濕度光及強度）和種植品種(如感光、感溫型)的不同而有較大的差異。一般開花時間從早上 10：00 到下午 1：00 (Adair, 1934)，在早上 8：00 前或下午 4：00 後沒有開花，開花後第二及第三天最旺盛。若當天環境為高溫、高濕及充足陽光時水稻會提早開花。水稻開花時其內外穎會打開，花藥伸長裸露在外面，開花後約 46-70 分鐘即關閉。水稻花

粉活力一般約可維持 5-10 分鐘。柱頭活力可以維持比較久時間約 2 至 4 天。與花粉相比，水稻柱頭對於溫度有較高的忍受力，在水溫 40-44℃或 0-6℃中，整個水稻花序組織將受到傷害，其花粉活力受到破壞，但不影響柱頭活性 (Jodon, 1938)。水稻為自花授粉作物，在開花前就完成了授精過程，柱頭接受的外來花粉授精的成功率很低，族群間的基因流佈機率相當的低，他花授粉的機會小於 1%(盧，1994)，轉基因以花粉形式逃逸的風險較小。然而如果水稻本身由於某些因素而造成花粉沒有活力或無法產生花粉，以致於影響水稻的自花授粉，就有機會接受外來花粉以完成授精。水稻不稔發生在抽穗前 10-16 天連續低溫（16℃）可能會導致花粉發育不完全（Lin *et al.,* 1974）。雖然水稻並不依賴昆蟲授粉，但有些水稻育種家(David 2003)觀察到當蜜蜂存在時會增加授粉機會。由此推論，如果轉殖水稻和非轉殖水稻花期相遇，包括一年之內的開花時期和一天之內的開花散粉時間一致，就有機會將所帶有的轉殖基因導入非轉殖水稻中。

(3) 在生物學上轉殖水稻與非轉殖水稻或野生近緣種有一定的雜交親合性且雜種後代可以正常繁殖。全世界有 2 個栽培稻即亞洲栽培稻(asian rice , *Oryza sativa*)和非洲栽培稻(african rice , *Oryza glaberrima*)，均為二倍體（2n=24），屬於 AA 基因組，與相同基因組的野生稻種雜交，普遍均有較高的雜交稔實率，雜交種子發育正常，一般均能順利獲得雜交的 F_1 植株。若與基因組不同的野生稻雜交，成功率相當低，且其雜種後代仍具有不同程度的繁殖障礙或異常分離的現象。因此理論上只有含 AA 基因組的野生稻才有可能成為轉殖基因逃逸的對象。在水稻的農田內或周圍常常會有一些與該作物親緣關係較遠的植物種類，即非近緣種，如禾本科的稗屬(*Echinochloa*)植物。Song *et al.,* (2002)利用轉 bar 基因水稻與稗草雜交以瞭解二者之間的雜交親和性，結果顯示轉殖水稻花粉無法在稗草柱頭上正常萌發生長，亦無法穿過稗草柱頭。另外將轉殖水稻花粉授在去雄稗草上，同樣無法獲得雜交種子。Song *et al.,* (2003)又利用不同方法(紫外光照射，反復凍融，黑暗放置) 誘導轉殖水稻花粉於稗草柱頭上萌發。結果顯示在所有誘導花粉條件下，轉殖水稻的花粉在稗草柱頭上雖能萌發，但花粉管扭曲成各種形狀而無法進入稗草柱頭。由此推論轉殖水稻與稗草間基因漂移的可能性極小。

因此瞭解栽培稻及其野生近緣種的地理分布、開花習性、親緣關係和基因流佈等資料對於預測和掌控轉殖基因的逃逸非常必要。

轉殖水稻基因流佈的途徑

轉殖水稻的轉殖基因向自然生態環境逃逸及其可能導致的生態風險是一個值得人們長期關注的問題，因為其可能引起的生態安全問題很難在短時期內

表現而被監測。但是一旦轉基因逃逸引起生態危害得以表現，並在生態系統中得到累積，可能會帶來較大的損失而短期內難以修復。

轉殖水稻轉殖基因流佈途徑主要有二個途徑：一、透過花粉傳播在空間上逃逸。轉殖水稻花粉的傳播是轉殖基因在空間上逃逸的主要途徑，也是轉殖水稻與其野生近緣種間基因流怖的主要原因。在自然狀態下攜帶轉殖基因的花粉透過風媒或蟲媒傳布，一旦在環境中找到受體並形成可孕或不孕的雜交後代就完成了轉殖基因向環境中的擴散過程，此即稱之為基因流佈。關於轉殖水稻的傳粉距離，已有一些研究成果，在這些研究中是藉由轉殖水稻花粉與非轉殖水稻種植在不同方向的不同距離上，調查二者間雜交的頻率，藉以探討花粉飛散程度。結果顯示雜交的頻率隨著距離的增加而降低，雜交率介於 0.01%~0.7% (Estorninos *et al.,* 2002；Zhang *et al.,* 2003, Messeguer *et al.*,2001；Chen *et al.,* 2002)。藉由花粉傳播而產生的基因流佈受族群間的距離(Manasse, 1992)、族群大小(Farris and Mitton, 1984)、過程的長短(Klinger and Ellstrand, 1999)，和新基因適應上的優勢(Arnold and Hodges, 1995; Arriola and Ellstrand, 1997)，以及植物本身形態特性包括交配系統(Govindaraju, 1988a,b)、授粉模式(Govindaraju, 1988a; Hamrick *et al.,* 1979)和花的結構(Ellstrand and Elam, 1993) 、開花的時間和花粉親和性(Jarvis and Hodgkin 1999)等因素所影響，另外氣候條件如風向、風速、溫度和濕度也容易影響花粉的飛散，因此不同地區所調查的結果也不同。

另一個途徑是透過種子在時間上逃逸。包括田間的管理措施及收穫後稻穀處理。轉殖水稻收穫不完全，穀粒散落遺留在田間或一些種子殘留在稻株上，若對殘株處理不嚴或不當時，容易形成自生苗(volunteers)，開花後與其野生、近緣種雜交，攜帶有選擇優勢性狀的自生苗也有可能成為雜草。另外轉殖水稻稻穀收穫後，在調製與運送過程中，遺漏在農機具、穀袋、穀倉、路邊時，都有可能與非轉殖水稻發生混雜而導致轉殖基因汙染(gene Contamination)。

結　語

儘管有關轉殖水稻種間親緣關係、花粉飛散、基因流佈等方面的研究可預測轉殖基因逃逸的風險，但對於轉殖基因的生態風險問題，還有許多的科學問題需要深入研究。包括轉殖水稻與野生近緣種若發生導入雜交，其雜種及後代是否比雙親具有更高的適應性？轉殖基因若導入到野生近緣種，是否能在其雜種及其後代中正常表達？攜帶轉殖基因的野生稻雜種是否會成為轉殖基因向其他野生物種逃逸的橋樑？如何對風險進行有效的評估和管理？等等。從目前的研究來看，轉殖水稻的轉殖基因在時空上的逃逸仍無法避免，為減少轉殖水稻在釋放過程中轉殖基因逃逸的現象，需要較好的技術方法來控制和管理轉殖

水稻的基因流佈，例如(1) 轉殖水稻種植的區域周圍設立足夠距離的隔離區。(2) 利用有效的栽培技術使轉殖水稻與鄰近水稻的開花期相互避開。(3) 用沒有親緣關係的植物在轉殖水稻種植區域周圍栽植沒有親緣關係的植物建立隔離區。(4) 可採用雄不稔水稻對轉殖水稻種植區域進行隔離。(5) 對轉殖水稻的種子等相關產品的運輸、出入境及儲藏嚴格管理。然而無論規範如何地完善，能否嚴格地執行將是控制轉殖水稻基因污染的關鍵環節。

參考文獻

吳志文。2002。稻作改良年報 P.351。

盧英權。1994。水稻。作物學 P.82-163。國立編譯館。

Adair, C. R. 1934. Studies on blooming in rice. Agron. J. 26:965-973.

Arnold, M.L., and S.A. Hodges. 1995. Are natural hybrids fit or unfit relative to their parents ? Trends Ecol. Evol. 10:67-71.

Arriola, P.E., and N.C. Ellstrand. 1997. Fitness of interspecific hybrids in the genus Sorghum: Persistence of crop genes in wild populations. Ecol. Applic. 7:512–518.

Chang, T.T., 1976. The origin, evolution, cultivation, dissemination, and diversification of Asian and Afirican rices. Euphytica 25:425-441.

Chen, L. J., H. S. Suh, D. S. Lee, W. Y. Gang, J. Y. Jung, and S. S. Kim. 2002. Field assessment of herbicide resistance gene flow to weedy rice (*Oryza sativa*) [abstract]. In International Rice Congress; September 16–20, 2002; Beijing, China. P. 273.

Clive James. 2004. Global Status of Biotech Crops in 2004. ISAAA Briefs 32.

David R. G., DONNA H. M., and J. N. RUTGER. 2003. Gene Flow Between Red Rice (Oryza sativa) and Herbicide-Resistant Rice (O. sativa): Implications for Weed Management. Weed Technology. 17:627-645.

Ellstrand, N.C., and D.R. Elam. 1993. Population genetic conse- quences of small population size: Implication for plant conservation. Annu. Rev. Ecol. Syst. 24:217-242.

Estorninos, L. E., Jr., D. R. Gealy, T. L. Dillon, F. L. Baldwin, R. R. Burgos, and T. H. Tai. 2002. Determination of hybridization between rice and red rice using four microsatellite markers. Proc. South. Weed Sci. Soc. 55:197-198.

Farris, M.A., and J.B. Mitton. 1984. Population density, outcrossing rate, and heterozygote superiority in ponderosa pine. Evolution 38: 1151-1154.

Govindaraju, D.R. 1988a. Relationship between dispersal ability and levels of gene flow in plants. Oikos 52:31-35.

Govindaraju, D.R. 1988b. A note on the relationship between outcrossing rate and gene flow in plants. Heredity 61:401-404.

Jarvis DI, Hodgkin T. 1999. Wild relatives and crop cultivars: detecting natural introgression and farmer selection of new enetic combinations in agroecosystems. *Molecular Ecology* 8: 159-173.

Jodon, N. E. 1938. Experiments on artificial hybridization of rice. Agron. J. 30:294-305.

Klinger, T., and N.C. Ellstrand. 1999. Transgenic movement via gene flow:Recommendations for improved biosafety assessment. p. 129-140. In K. Ammann et al. (ed.) Methods for risk assessment of transgenic plants: III. Ecological risks and prospects of transgenic plants. Birkhäuser Verlag, Basel, Switzerland.

Lin, S. S., M. L. Peterson, and D. B. Jones. 1974. Low temperature induced floret sterility in rice. In Proceedings of the Fifteenth Rice Technical Working Group. College Station, TX: Texas Agricultural Experiment Station. Pp. 22-23. Marchezan, E., F. M.

Manasse, R.S. 1992. Ecological risks of transgenic plants: Effects of spatial dispersion on gene flow. Ecol. Applic. 2:431-438.

Messeguer, J., C. Fogher, E. Guiderdoni, V. Marfa, M. M. Catala, G. Baldi, and E. Mele. 2001. Field assessments of gene flow from transgenic to cultivated rice (*Oryza sativa L.*) using a herbicide resistance gene as tracer marker. Theor. Appl. Genet. 103:1151–1159.

Singh, R. J. and G. S. Khush. 2000. Cytogenetics of rice. In J. S. Nanda, ed. Rice Breeding and Genetics-Research Priorities and Challenges. Enfield, NH: Science Publishers. Pp. 287-311.

Son X.L., Qiang S. and Sun M.Z. 2003. Gene Flow Between Herbicide Resistant Transgenic Rice and *Echinochloa crusgalli var. mitis* Under Mentor Pollen Inducement. Chinese J Rice Sci 17 (3) :191-195

Song Ge, Tao Sang, Bao-Rong Lu, and De-Yuan Hong. Phylogeny of rice genomes with emphasis on origins of allotetraploid species. PNAS 1999 96: 14400-14405.

Song X.L., Qiang S., Liu L.L. and Xu Y.H. 2002 Assessment on gene flow through detection of sexual compatibility between transgenic rice with bar and

Echinochloa crusgalli var. mitis. Acta A gric Sin. 35(10) :1128-1131.

Zhang, N., S. Linscombe, and J. Oard. 2003. Outcrossing frequency and genetic analysis of hybrids between transgenic glufosinate herbicide-resistant rice and the weed, red rice. Euphytica. 130:35-45.

Zhang, N.Y., Linscombe, S. and Oard, J. 2003. Out-crossing frequency and genetic analysis of hybrids between transgenic glufosinate herbicide-resistant rice and the weed, red rice. Euphytica 130: 35-45, 2003.